

Title	一酸化炭素資化菌と水圏ウイルスの分子生物学的研究
Author(s)	吉田, 天士
Citation	京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 (2019), 2018: 61-61
Issue Date	2019-03
URL	http://hdl.handle.net/2433/241188
Right	
Type	Article
Textversion	publisher

一酸化炭素資化菌と水圏ウイルスの分子生物学的研究

Molecular biology of carboxydutrophs and aquatic viruses

京都大学 農学研究科 応用生物科学専攻

吉田 天士

研究成果概要

水素 (H_2) 生成型一酸化炭素 (CO) 資化菌は、 CO を次世代エネルギーである H_2 に変換する。そのため、 H_2 生成型 CO 資化菌は合成ガス中の CO を利用して、高効率に H_2 を生成する微生物触媒への応用が期待される。 H_2 生成型 CO 資化菌の資源化を目的とし、 CO 代謝の鍵酵素 CO デヒドロゲナーゼ ($CODH$) の網羅的探索とカタログ化を行った。

130,000 を超えるデータベース上の全微生物ゲノムに対して、京都大学化学研究所 スーパーコンピュータシステムを利用して $CODH$ の網羅的探索を行った。その結果、 $CODH$ は幅広い生物群 (バクテリア 27 門、アーキア 9 門) に含まれており、これらは新規な系統群を含む 7 つの系統群に分類され、さらに構造モチーフに従って 24 のグループに細分化された。続いて $CODH$ の活性に重要なアミノ酸残基の多様性を明らかにし、新規な金属配位モチーフを持つ $CODH$ を見出した。また、その構造的な特徴に応じて同一遺伝子領域にコードされるタンパク質と共役する多数の機能未知 $CODH$ を見出した。

有毒アオコ原因ラン藻は環境中で多様なウイルスとの相互作用が示唆される。上記の成果に加え、当研究室では網羅的転写解析により、唯一の本種ウイルス分離例 Ma-LMM01 の感染様式を明らかにし、多様な宿主ウイルス耐性機構をステルス感染により回避することを示した。また、環境中で本種は多様なウイルス感染を受けるものの、完全な選択的淘汰が起こらず、ウイルス感染履歴に基づく個体群が多様化していくことをアンプリコン解析により明らかにした。現在、海洋性ラン藻を標的として、環境中での個体群の多様性をウイルスとの相互作用から説明するべく、被感染ラン藻細胞からの新規ウイルスゲノム構築手法の確立を目指しており、その成果は平成 30 年度日本水産学会近畿支部優秀発表賞に選出されるに至った。

発表論文(謝辞あり)

Structural and phylogenetic diversity of anaerobic carbon-monoxide dehydrogenases. Front. Microbiol. (2019) 10.3389/fmicb.2018.03353

他 2 報

発表論文(謝辞なし)

Transcriptome Analysis of a Bloom-Forming Cyanobacterium *Microcystis aeruginosa* during Ma-LMM01 Phage Infection. Front Microbiol. (2018) 10.3389/fmicb.2018.00002

他 1 報